

Authenticatie van muiscellijnen (korte tandem herhaling en (STR)) | 900654

Gezien de prevalentie van kruisbesmetting en verkeerde identificatie is de authenticiteit van cellen die gebruikt worden in wetenschappelijke onderzoeksprojecten een groot probleem. Geschat wordt dat ongeveer 15-20% van al het onderzoek op basis van cellijnen werkt met verkeerd geïdentificeerde cellijnen. Daarom is het bepalen van het profiel van een cellijn met behulp van STR-analyse cruciaal voor het uitvoeren van betrouwbaar en herhaalbaar onderzoek. Daarnaast vraagt een groeiend aantal tijdschriften om verificatie van cellijnen voordat ze een artikel accepteren.

Onze service omvat

- Verificatie van cellijnen
- Vergelijking met online databases
- Analyse rapport dat klaar is voor publicatie

Eenvoudig te gebruiken

- Download het [Bestelformulier voor cellijnauthenticatie](#) en voeg het ingevulde en afgedrukte blad bij uw monsterzending.
- Stuur ons de monsters in een gewatteerde envelop op kamertemperatuur.
- Voor gDNA graag $\geq 50 \mu\text{l}$ van $50\text{ng}/\mu\text{l}$ gDNA in Tris of EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- Voor celpellets, gelieve ons te voorzien van 1,0-5,0 miljoen cellen als een celpellet. Was twee keer met PBS en resuspendeer in 0,5 ml 70-90% ethanol.

Markers

- Menselijke cellen worden getypeerd met het PowerPlex System van Promega met 16 STR-markers.
- Muiscellen worden getypeerd met 18 STR-markers.
- Rattencellen worden getypeerd met 14 STR-markers en één geslachtsspecifieke marker.
- Hondencellen worden getypeerd met 11 STR-markers.
- Hamstercellen zijn getypeerd met 10 STR-markers.

Resultaten

Je ontvangt de resultaten binnen 2 weken per e-mail. De resultaten omvatten de vergelijking van de gegevens met de Cellosaurus database. De cellijn wordt geclassificeerd als authentiek of verkeerd geïdentificeerd.

Korte tandem herhalingen (STR's)

Een DNA-motief van 2-13 basen dat tot enkele honderden keren herhaald wordt, vormt een korte tandem herhaling (STR). Individuele variabiliteit in het aantal herhalingen in een STR leidt tot variaties in de lengte van de geproduceerde fragmenten bij gebruik van PCR. De cellijnen worden geprofileerd met behulp van deze variaties in fragmentlengtes op verschillende loci.

Detectie van mengsels van cellijnen

Het is mogelijk om contaminatie van een cellijn door een of meer andere cellijnen te identificeren tot een frequentie van 10% van de contaminerende cellijn. Combinaties van cellijnen leveren meestal STR-profielen op met drie of meer pieken voor een of meer loci.